

MODELAGEM E SIMULAÇÃO DE DISSEMINAÇÃO DE DOENÇAS BASEADO EM AUTÔMATOS CELULARES

Anderson Carlos da Silva Morais¹, Matheus da Silva Menezes²

Resumo: O trabalho apresenta um modelo de disseminação de doenças em um sistema fechado que utiliza características dos sistemas multiagentes, do modelo SIR e da teoria dos autômatos celulares como base para a implementação do modelo. O objetivo deste estudo é investigar características da disseminação de doenças, tais como: disposição espacial, resposta individual à doença e probabilidade de infecção, que não são abordadas ou são tratadas de maneira limitada em outros modelos. Os objetivos específicos deste estudo são: apresentar o modelo SIR, descrever um sistema multiagentes e implementar computacionalmente um sistema multiagentes baseado na teoria dos autômatos celulares, realizando simulações de cenários sobre a característica espacial do modelo.

Palavras-chave: Modelo SIR, Sistema multiagentes, Autômatos celulares.

1 INTRODUÇÃO

O estudo da disseminação de doenças é um tema de grande interesse na comunidade acadêmica e de saúde, pois permite compreender a dinâmica de disseminação e analisar fatores relevantes nesse processo, permitindo a criação de medidas de combate eficazes. A área de disseminação de doenças ganhou destaque durante e após a pandemia do vírus SARS-CoV-2, causador da Covid-19 [5]. Outra área relacionada a essa temática é a área de simulação, que faz uso de modelagens matemáticas e recursos computacionais para estudar diferentes cenários, identificando comportamentos e características que auxiliam na prevenção e combate às doenças, [1, 3]. Um dos modelos mais conhecidos é o modelo matemático Suscetíveis-Infectados-Recuperados (SIR), que utiliza equações diferenciais para representar a disseminação de uma doença [6]. No entanto, esse tipo de modelo demanda maior rigor matemático, além de não conseguir representar certas características de uma doença, como a disposição espacial dos indivíduos no sistema.

Partindo desta premissa, se vê necessário buscar novas formas de modelagem e simulação que consigam ter uma abordagem fidedigna a disseminação de doenças. Uma alternativa pode ser encontrada nos sistemas multiagentes (SMA) [1, 5], que são usados para modelagem de disseminação de doenças abordando características da doença como parâmetros da simulação, utilizando do comportamento entre os agentes e da implementação do sistema, não necessitando de equações diferenciais. Para incorporar os SMA no modelo, é necessário definir a natureza e o comportamento dos agentes, sendo usado os conceitos dos autômatos celulares (ACs), em que cada agente é representado como uma célula em um sistema fechado, e cada uma dessas células possui um estado e uma vizinhança própria, características centrais na definição das regras do sistema [2].

O modelo adota parâmetros de uma doença fictícia, nos quais a definição e a lógica de uso são estabelecidas com base em diferentes abordagens: autômatos celulares são empregados para a configuração do sistema, o modelo SIR é utilizado para definir as características do agente e seu comportamento de disseminação, enquanto os sistemas multiagentes são integrados para proporcionar maior flexibilidade na modelagem.

2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

Serão apresentados três conceitos fundamentais para o entendimento do projeto. O modelo SIR, abordando sua modelagem e uso no estudo de disseminação de doenças. A teoria dos autômatos celulares e sua aplicação no jogo da vida de Conway [4], e, por fim, o sistema multiagentes que utiliza os conceitos anteriores para apresentar uma nova proposta de modelagem.

2.1 Modelo SIR

O interesse no estudo de doenças segue desde os primórdios da humanidade. O conhecimento das enfermidades permite o desenvolvimento de técnicas capazes de combatê-las, desde medidas de prevenção a tratamentos eficazes. Dentro da área da epidemiologia, o estudo de disseminação de doenças utiliza modelos matemáticos para representar disseminações de doenças a décadas, como o modelo matemático SIR, proposto em [6].

O modelo SIR é usado para estudar a dinâmica de disseminação de doenças em uma população através de equações diferenciais ordinárias em função do tempo. No modelo clássico, a população total permanece constante, não havendo nascimentos ou mortes, os indivíduos da população transitam de classe, sempre pertencendo a uma das três classes: Suscetíveis $S(t)$, Infectados $I(t)$ e Recuperadores $R(t)$. Os indivíduos suscetíveis podem transicionar para infectados com base na taxa de infecção (β), assim como os indivíduos infectados podem se tornar recuperados de acordo com a taxa de recuperação (ν), apresentado na Figura 1.

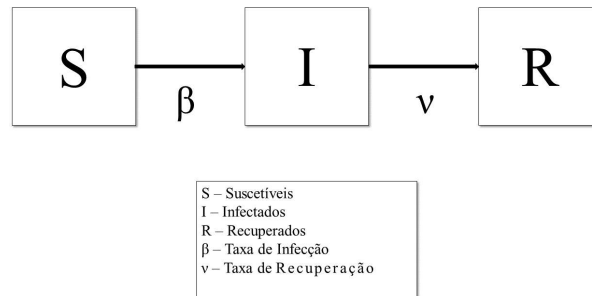


Figura 1: Diagrama do modelo SIR. Fonte: Adaptado de [1].

Já sua representação por equações diferenciais, têm-se:

1. A população é constante, portanto, a soma dos indivíduos das três classes permanece como o número total da população (N), visto na Equação 1, logo, a soma das variações entre as classes é constante, apresentado na Equação 2;

$$S(t) + R(t) + I(t) = N \quad (1)$$

$$\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt} = 0 \quad (2)$$

2. A classe de Suscetíveis representa os indivíduos não infectados que podem contrair a doença ao entrar em contato com indivíduos infectados, sua variação se dá pela Equação 3, sendo sempre uma variação negativa, uma vez que os indivíduos da classe estão sempre diminuindo. Por não apresentar sentido lógico valores negativos para os indivíduos, apresenta $S(0) = S_0 \geq 0$;

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI \quad (3)$$

3. A classe de Infectados representa indivíduos doentes que podem transmitir a doença para indivíduos suscetíveis, sendo a diferença dos indivíduos da classe de suscetíveis pela classe de recuperados, apresentado na Equação 4. Para que o comportamento de disseminação ocorra é necessário que o modelo apresente ao menos um infectado inicial, $I(0) = I_0 \geq 1$;

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \nu I \quad (4)$$

4. A classe de Recuperados são indivíduos que estiveram infectados e não podem transmitir mais a doença, considerados como indivíduos imunes, a classe é representada pela Equação 5. A variação é sempre positiva, representando o aumento de indivíduos recuperados até que toda a população (N) seja formada de indivíduos recuperados;

$$\frac{dR}{dt} = \nu I \quad (5)$$

5. Número básico de reprodução (R_0) é uma forma de definir a quantidade de infecções secundárias geradas a partir de uma infecção primária, quanto maior R_0 , maior será a disseminação da doença, representado pela Equação 6.

$$R_0 = \frac{\beta S}{\nu} \quad (6)$$

Outras características presentes no modelo são considerar uma população homogênea e uniformemente distribuída pelo espaço, as taxas de infecção e recuperação não dependem da localização espacial dos indivíduos. Por mais simples que o SIR aparente, o modelo é capaz de representar dinâmicas de disseminação de doenças, em comunidades pequenas como vista em animais, bactérias e em casos de epidemias de doenças em uma comunidade [6].

2.2 Autômatos Celulares

A teoria dos autômatos celulares surgiu no final da década de 40, pelos matemáticos John Von Neumann e Stanislaw Ulam que buscavam desenvolver um modelo capaz de mesclar biologia com o conceito de autômato. A palavra autômato, para Neumann, era entendida como uma máquina automática cujo comportamento poderia ser modelado matematicamente, o que acompanhado pelo fascínio em entender o mundo através desse aspecto levou ao surgimento dos autômatos celulares [4].

2.2.1 Composição do Autômato Celular

Os autômatos celulares são sistemas complexos, dinâmicos e discretos, que interagem entre si ao longo do tempo. Sua complexidade está relacionada a quantidade de agentes interagindo entre si, que independem dos demais, não sendo possível retornar a um estado anterior do sistema. Se tratam de interações não lineares que dificultam análise matemática, além de sua dinamicidade ocorrer pelas mudanças do sistema ao longo do tempo [2].

A característica discreta dos ACs, segundo [2], é dada por dois fatores relacionados à dimensão discreta da quantidade de agentes e também da passagem de tempo marcada por períodos definidos (horas, dias, épocas). Além dos aspectos mencionados, a composição do sistema dos autômatos celulares apresenta características essenciais para sua modelagem, como:

1. Estado da célula: valor ou condição que uma célula assume, baseado no problema abordado (vivas, mortas, infectadas). O estado pode ser modificado por meios de regras de transição;
2. Estrutura: sistema espacial e organizacional em que as células são submetidas, tais como: unidimensional, bidimensional (malha ou grid) e tridimensional, conforme ilustrado na Figura 2;

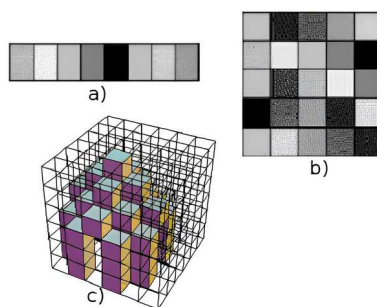


Figura 2: Estruturas: a) unidimensional, b) bidimensional e c) tridimensional. Fonte: [2] apud [7].

3. Geometria: forma das células, podendo ser: quadradas, hexagonais e triangulares, apresentado na Figura 3;

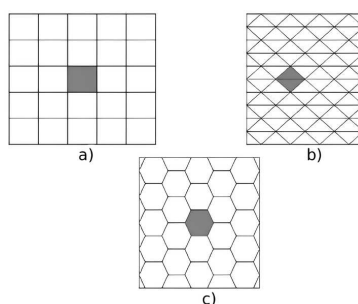


Figura 3: Células de geometria: a) quadrada, b) triangular e c) hexagonal. Fonte: [2] apud [7].

4. Vizinhança: característica que define como a célula interage com as demais, sendo característica essencial na implementação das condições de fronteira e nas regras de transição do sistema. Existem três tipos principais de vizinhanças, a de Von Neumann, Moore e Moore estendida, além do conceito de raio de vizinhança, usado para classificar novas vizinhanças com base na distância da célula central até a célula mais distante [2]. Essas vizinhanças são descritas a seguir e ilustradas na Figura 4, onde a célula central está destacada em azul e sua vizinhança em verde.

- (a) Vizinhança de Von Neumann: vizinhança que considera as quatro células vizinhas mais próximas da célula centrada, sendo as células superior, inferior, a esquerda e a direita;
- (b) Vizinhança de Moore: considera um perímetro de células vizinhas a partir da célula centrada, sendo oito células vizinhas, englobando as diagonais, e podendo ser referido como vizinhança de raio um;

- (c) Vizinhança de Moore Estendida: estende a vizinhança de Moore para um perímetro de duas células vizinhas, podendo ser entendida como vizinhança de raio dois, totalizando 24 células vizinhas.

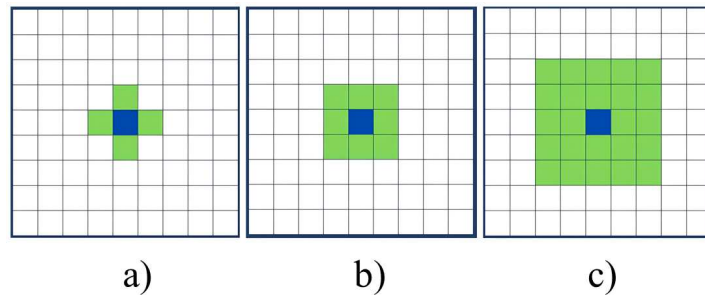


Figura 4: Vizinhança de: a) Neumann, b) Moore e c) Moore estendida. Fonte: autoria própria.

5. Regras de transição: condições para que ocorra a mudança de estados das células, utilizam das demais características que compõem o sistema para definir o próximo estado da célula, possuindo milhares de variações;
6. Condição de fronteira: são condições que definem o comportamento das células no limite da estrutura (extremos da estrutura). Existem três limites básicos que uma estrutura pode possuir, representados na Figura 5, e apresentados a seguir:
 - (a) Fixo: quando a célula centrada está em contato com a fronteira do sistema, a vizinhança que se encontra na fronteira ou fora dela é definida como um estado fixo durante toda a simulação, este é o limite mais usado na literatura, considerando o estado das células da fronteira como valores nulos;
 - (b) Periódico: para a célula centrada em contato com a fronteira, a vizinhança que se encontra na fronteira ou fora dela é estendida para o outro extremo, de maneira que todas as células do sistema estão conectadas;
 - (c) Reflexivo: também quando a célula centrada se encontra em contato com a fronteira do sistema, a vizinhança que se encontra na fronteira ou fora dela é o reflexo do estado da célula.

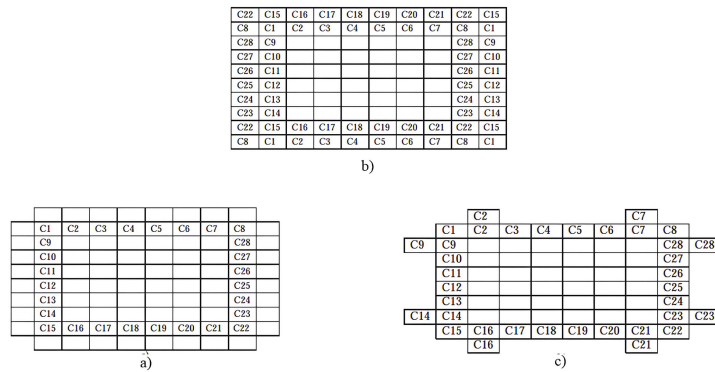


Figura 5: Limites: a) Fixo, b) Periódico e c) Reflexivo. Fonte: [2].

2.2.2 O Jogo da Vida

Uma das aplicações de destaque dos ACs, é o jogo da vida (*Game of Life*) desenvolvido por John Horton Conway [8]. O jogo da vida consiste em uma estrutura bidimensional composta por células quadradas que podem estar em um de dois estados não simultâneos: vivas ou mortas. Utilizando a vizinhança de Moore, com condição de fronteira de limite fixo, enquanto a evolução do sistema ocorre ao longo das gerações. O destaque do jogo da vida está no uso de regras de transição simples que geram padrões e estruturas diversas, sendo as regras:

- Uma célula viva com um vizinho ou menos, morre de solidão;
- Uma célula viva com mais de três vizinhos vivos, morre por superpopulação;
- Uma célula viva com 2 ou 3 vizinhos vivos, sobrevive para a próxima geração;
- Uma célula morta com exatamente 3 vizinhos vivos, nasce;

A partir das regras do jogo da vida é possível identificar padrões nas estruturas que surgiam durante o jogo. A descoberta e classificação dessas estruturas impulsionou estudos na área dos autômatos celulares acarretando no desenvolvimento de trabalhos nas áreas de matemática, física, química, biologia, medicina, computação, entre outras, mas que passaram a usar a teorias dos ACs para modelagem de problemas [2]. Dentre as estruturas identificadas, se destacam três tipos, ilustrados na Figura 6, em que as estruturas apresentam um padrão ao longo das gerações (K):

- *Gliders*: formas que se movem pela estrutura bidimensional ao longo das gerações, modificando sua forma em ciclos;
- Vida Estável: formas que permanecem inalteradas para qualquer geração ($K = cte$);
- *Oscilators*: formas que oscilam de maneira cíclica ao longo das gerações;

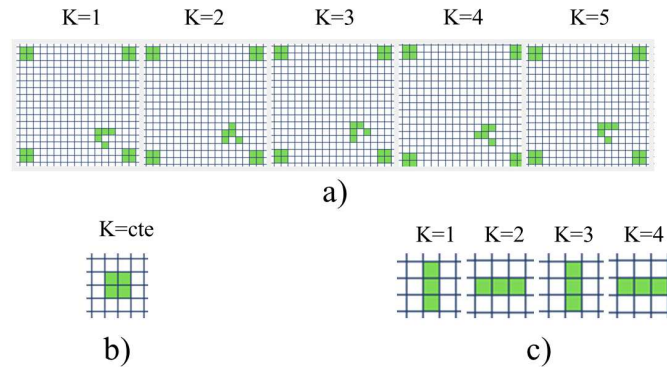


Figura 6: Exemplos de estruturas: a) *Glider*, b) Vida estável e c) *Oscilator*. Fonte: autoria própria.

2.2.3 Aplicações

Com o uso dos ACs, padrões visto na natureza foram identificados e reproduzidos através de simulações, tais como os que estão documentados em [9]. O estudo dos ACs se expandiu, uma vez que modificações no sistema ou nas regras de transição geram novos padrões, como no caso do padrão na concha do molusco gastrópode, o pano de cone de ouro (*Conus textile*), que apresenta um padrão similar ao dos ACs quando usado uma regra de transição diferente (regra 30), ambos apresentados nas Figuras 7 e 8. O uso dos ACs também foi explorado para modelagem de reações químicas, propagações de incêndio em florestas e no campo da epidemiologia, sendo usados em modelagens para estudar a disseminação de doenças[2].

Um trabalho de destaque foi o desenvolvimento da máquina de Turing dentro do universo de ACs por Paul Rendell [10]. A máquina de Turing se trata de um modelo matemático computacional capaz de representar estruturas lógicas da computação (memória, estados e processamento) sem os aspectos físicos. Sua implementação dentro de um modelo baseado em regras simples popularizou ainda mais o uso dos ACs para modelagens matemáticas.



Figura 7: Caracol de cone têxtil. Fonte: adaptado de [2].

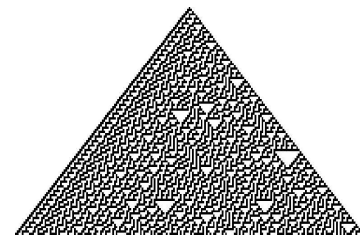


Figura 8: AC de larga escala baseado na regra 30. Fonte: autoria própria.

2.3 Sistema Multiagentes

Os sistemas multiagentes (SMA) são uma abordagem de modelagem baseada na relação entre agentes e nas características do sistema. Diferente de outros modelos, os SMA não necessitam de equações diferenciais, além de conseguirem abordar mais características do problema sem aumento de dificuldade. Os SMA são amplamente utilizados na modelagem e simulação de disseminação de doenças, permitindo representar às características: período de incubação, tempo de duração e letalidade da doença [1].

O modelo baseado em SMA é um modelo inspirado no modelo SIR, que permite representar situações mais próximas da realidade. Os SMA podem representar aspectos espaciais no modelo, além de serem mais maleáveis, permitindo modificar o cenário durante a simulação, com a adição ou remoção de indivíduos, como também adicionando características que foram descobertas durante a simulação [5, 1].

O agente é a entidade que será representada no modelo, sendo baseado no agente computacional, que é um mecanismo responsável por realizar uma atividade com base nos dados disponíveis. Como definido em [11], “um agente é tudo que pode ser considerado capaz de perceber seu ambiente por meio de sensores e de agir sobre esse ambiente por intermédio de atuadores”. No contexto do SMA, atuadores e sensores são implementados através das regras do sistema.

Os agentes presentes nos SMA são do tipo reativo simples, que executam ações com base nas informações do ambiente no atual momento [1]. Quanto ao sistema, são formados a partir da interação das variáveis, regras e conceitos definidos de acordo com a necessidade de representar o problema no modelo [12]. Um dos trabalhos apresentados em [1], é utilizado um SMA para simular a disseminação do vírus H1N1, em uma comunidade no Egito. A adoção do uso dos SMA ocorreu devido ao modelo ter capacidade de representar fatores espaciais e temporais, como a dinâmica de interação entre indivíduos e os aspectos biológicos da transmissão do vírus.

3 METODOLOGIA

O trabalho apresenta o desenvolvimento de um algoritmo computacional que permita estudar a influência da característica espacial na disseminação de uma doença. É desenvolvido um Sistema Multiagentes que utiliza da estrutura do sistema dos ACs, o modelo SIR e do SMA para representar características específicas do problema.

O modelo usa as classes suscetíveis (S), infectados (I) e recuperados (R) como estados que as células podem assumir, e faz uso de características da disseminação de uma doença, como: resposta imune (κ), tempo de recuperação de um indivíduo infectado (τ), exposição acumulada (ν), probabilidade de infecção (P), taxa de infecção (γ), vizinhos infectados (χ) e tempo de exposição (ω). A descrição e forma de obtenção de algumas variáveis são apresentadas a seguir, assim como o uso das classes, variáveis e a lógica do algoritmo que é ilustrada na Figura 9.

- Resposta imune (κ): variável numérica com valor aleatório entre 0 e 1. Cada indivíduo possui um valor único, representando o comportamento heterogêneo de cada sistema imune a uma doença, sendo gerado apenas uma vez no início do algoritmo;
- Taxa de infecção (γ): se trata de um parâmetro definido no início do algoritmo com valor entre 0 e 1, usado para calcular a probabilidade de infecção, adotando para o modelo o valor de 0,10 para todos os cenários simulados;
- Vizinhos infectados (χ): variável numérica inteira que representa a quantidade de agentes vizinhos infectados com base na vizinhança, sendo vizinhança de Moore;
- Tempo de Exposição (ω): variável numérica que representa o valor a ser incrementado a exposição acumulada, sendo definido para o modelo o valor de 0,05;
- Tempo de recuperação (τ): variável numérica inteira que representa a quantidade de gerações que um agente passará na classe infectado antes de se tornar um agente recuperado, é uma variável única para cada agente que decrementa seu valor em um a cada geração, como demonstrado na Equação 7, em que o tempo de recuperação atual é o tempo de recuperação anterior menos um;

$$\tau_k = \tau_{k-1} - 1 \quad (7)$$

- Exposição acumulada (ν): variável numérica acumulativa que assume valores no intervalo de [0; 0,30], representa uma maior chance de infecção para indivíduos que passam mais tempo expostos a um agente infectado, sendo um valor único para cada agente. A exposição acumulada é atualizada somando o valor de tempo de exposição a cada geração até um limite definido, para o modelo o valor limite é definido como 0,30 como apresentado na Equação 8;

$$\nu = \begin{cases} \nu + \omega & \nu < 0,30 \\ 0,30 & \nu \geq 0,30 \end{cases} \quad (8)$$

- Probabilidade de infecção (P): valor numérico dentro do intervalo de [0; 1] calculado para cada agente, representa a chance de um agente ser infectado naquele determinado momento, é obtido pelo produto da quantidade de vizinhos infectados pela taxa de infecção, mais a exposição acumulada, sendo visualizado na Equação 9.

$$P = \gamma \cdot \chi + \nu \quad (9)$$

Para a realização do estudo proposto, foram desenvolvidos nove cenários de simulação, conduzindo 10 testes para cada cenário, sendo o grid de estrutura bidimensional de dimensão (90x120), totalizando 10.800 células. Para a análise comparativa dos cenários, adotou-se o conceito de estabilidade do sistema, definido como a geração em que não há mais agentes infectados no sistema, resultando na ausência de novas infecções. Os cenários são apresentados na Figura 10, acompanhados por uma breve descrição dos cenários quanto sua distribuição espacial no sistema e a quantidade de agentes infectados iniciais I_0 .

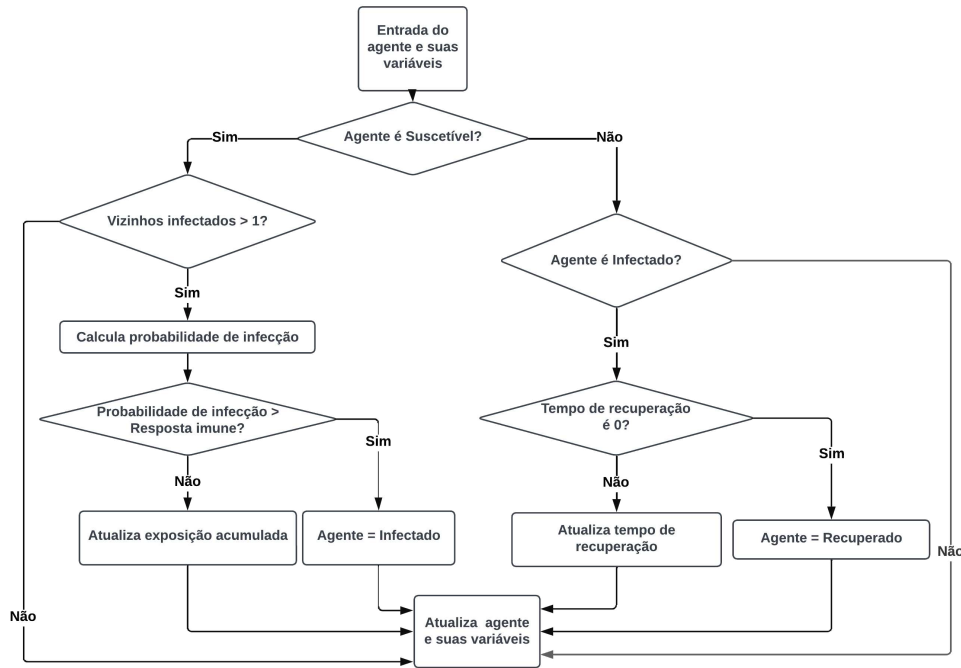


Figura 9: Diagrama de transição de fase. Fonte: autoria própria.

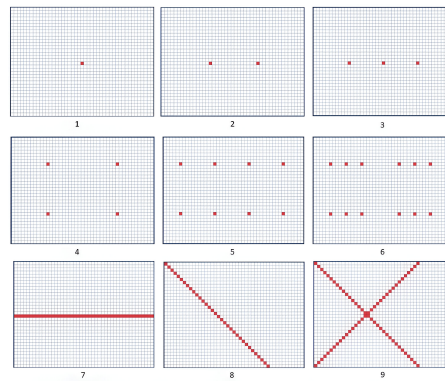


Figura 10: Cenários de simulação de 1 ao 9. Fonte: autoria própria.

- Cenário 1: um agente infectado no centro do grid, $I_0 = 1$;
- Cenário 2: dois agentes infectados equidistantes entre si no centro do grid, $I_0 = 2$;
- Cenário 3: três agentes infectados equidistantes entre si no centro do grid, $I_0 = 3$;
- Cenário 4: quatro agentes infectados no centro de cada quadrante do grid, $I_0 = 4$;
- Cenário 5: dois agentes infectados equidistantes no centro de cada quadrante do grid, $I_0 = 8$;
- Cenário 6: três agentes infectados equidistantes no centro de cada quadrante do grid, $I_0 = 12$;
- Cenário 7: uma linha horizontal de agentes infectados no centro do grid, $I_0 = 120$;
- Cenário 8: aproximação de uma diagonal principal formada por agentes infectados, $I_0 = 90$;
- Cenário 9: aproximação de uma diagonal principal e secundária composta por agentes infectados, $I_0 = 180$.

Com base nas características introduzidas, o modelo foi desenvolvido usando dos parâmetros e regras da Tabela 1, utilizando a linguagem de programação Python na versão 3.10, contando com as bibliotecas: *pygame*, *numpy*, *matplotlib*, *csv*, *time*, *os* e *threading*. Dado o comportamento probabilístico do modelo proposto, foram realizados 10 rodadas para cenários de simulação, sendo realizados em uma máquina com configuração: sistema operacional windows 10 pro, processador AMD Ryzen 5 5600, 16gb de memória RAM ddr4 2400mhz, 1tb de SSD tipo SATA3 e com placa de vídeo AMD rx5600xt com 6gb de VRAM.

Tabela 1: Parâmetros do modelo. Fonte: autoria própria.

Parâmetro	Valor padrão
Geometria	Quadrada
Estado das células	Suscetível, Infectado, Recuperado
Tipo de vizinhança	Moore
Condição de fronteira	Limite fixo
Taxa de exposição	0,05
Taxa de infecção	0,10
Tempo de recuperação padrão	5
Resposta imune	Valor aleatório entre 0 e 1

4 RESULTADOS E DISCUSSÕES

A partir dos dados das simulações, é realizado a análise das gerações e da quantidade de agentes suscetíveis e recuperados para cada cenário, quando a estabilidade do sistema é alcançada. Os resultados das análises das gerações, agentes suscetíveis e recuperados estão apresentados nas Tabelas 2, 3 e 4, respectivamente, e nos Gráficos 1, 2 e 3. As tabelas apresentam a identificação do cenário estudado, a quantidade inicial de infectados (I_0), bem como métricas de média, desvio padrão, mínimo, máximo e coeficiente de variação (CV) correspondentes a cada característica analisada. Já os gráficos, apresentam os valores de mínimo, máximo e a média normalizados para cada características analisadas.

Na análise dos cenários, considera-se como um cenário positivo aquele em que a disseminação da doença ocorre de maneira eficaz e eficiente em comparação com os demais, possuindo uma baixa quantidade de gerações para atingir a estabilidade, juntamente com uma baixa quantidade inicial de agentes infectados e um coeficiente de variação baixo. Também são características positivas uma alta quantidade de agentes recuperados que demonstra uma maior quantidade de indivíduos que foram infectados, e uma baixa quantidade de agentes suscetíveis ao término da simulação.

Analisando a quantidade de gerações para cada cenário atingir a estabilidade, conforme apresentado na Tabela 2 e Gráfico 1, os cenários 1, 6, 7 e 9 destacam-se por exibirem algumas das características desejadas para um cenário positivo. Entretanto, os cenários 1 e 7 são descartados devido às médias, desvio padrão, mínimo e máximo serem mais elevados em comparação com os cenários 6 e 9. O cenário 6 se destaca, especialmente, por apresentar uma baixa quantidade de infectados iniciais em relação ao cenário 9, sendo o melhor cenário para a disseminação de doenças em relação a análise de gerações.

Tabela 2: Métricas do total de gerações quando atingi a estabilidade. Fonte: Autoria própria.

Cenários	I_0	Média	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo	CV (%)
1	1	335,8	42,5619	277	416	12,6748
2	2	336,8	75,7302	236	450	22,4852
3	3	345,8	112,7848	210	483	32,6156
4	4	274,1	87,6121	205	515	31,9635
5	8	214,2	42,9128	160	304	20,0340
6	12	187,4	33,2673	142	230	17,7520
7	120	238,7	42,8176	163	294	17,9378
8	90	270,9	80,3913	170	415	29,6756
9	180	205,2	29,9288	168	252	14,5852

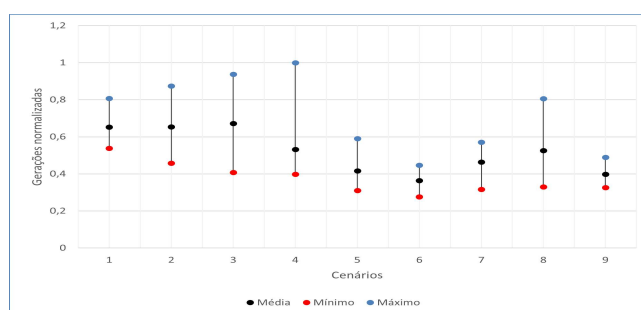


Gráfico 1: Gerações normalizadas por cenário de teste. Fonte: autoria própria.

Considerando a quantidade agentes suscetíveis ao final da simulação, conforme representado na Tabela 3 e Gráfico 2, os cenários 6, 7 e 9 se destacam por exibirem um baixo coeficiente de variação. Contudo, como se busca uma menor quantidade de agentes suscetíveis ao final da simulação e com baixa quantidade de agentes infectados iniciais, o cenário 6 se destaca novamente, apresentando métricas consistentes e muito próximas aos cenários 7 e 9, mesmo possuindo uma

quantidade de infectados iniciais 10 e 15 vezes menor, respectivamente.

Tabela 3: Métricas do total de suscetíveis quando atinge a estabilidade. Fonte: autoria própria.

Cenários	I_0	Média	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo	CV (%)
1	1	6234,6	1146,4636	5055	8562	18,3887
2	2	5934,2	634,1927	5078	6699	10,6871
3	3	6040,6	799,3727	4960	7402	13,2333
4	4	6509,4	1056,9719	5081	9118	16,2376
5	8	5767,2	680,0609	4926	7451	11,7919
6	12	5569,3	340,8796	4917	6088	6,1207
7	120	5672,0	329,5910	5160	6420	5,8108
8	90	5979,8	1004,5159	4922	7628	16,7985
9	180	5062,4	324,1286	4709	5695	6,4027

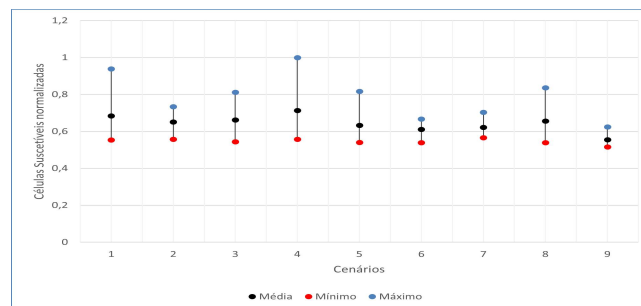


Gráfico 2: Total de células suscetíveis normalizadas por cenário de teste. Fonte: autoria própria.

Na análise da quantidade de agentes recuperados, conforme visualizado na Tabela 4 e Gráfico 3, nota-se que, devido às características do modelo SIR, a soma das médias dos agentes suscetíveis e recuperados resulta na população total do sistema, como apresentado na Equação (1). Embora o cenário 9 apresente métricas favoráveis, o cenário 6 distingue-se mais uma vez devido à sua baixa quantidade de infectados iniciais.

Tabela 4: Métricas do total de recuperados quando atinge a estabilidade. Fonte: autoria própria.

Cenários	I_0	Média	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo	CV (%)
1	1	4565,4	1146,4636	2238	5745	25,1120
2	2	4865,8	634,1927	4101	5722	13,0337
3	3	4759,4	799,3727	3398	5840	16,7957
4	4	4290,6	1056,9719	1682	5719	24,6346
5	8	5032,8	680,0609	3349	5874	13,5126
6	12	5230,7	340,8796	4712	5883	6,5169
7	120	5128,0	329,5910	4380	5640	6,4273
8	90	4820,2	1004,5159	3172	5878	20,8397
9	180	5737,6	324,1286	5105	6091	5,6492

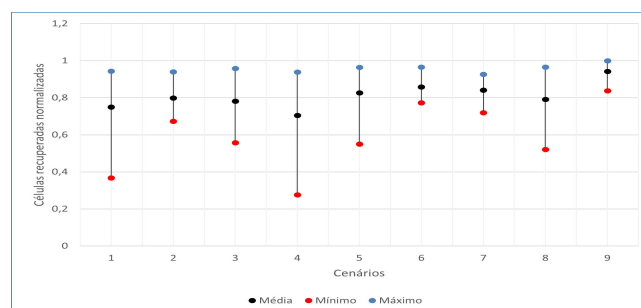


Gráfico 3: Total de células recuperadas normalizadas por cenário de teste. Fonte: autoria própria.

Pela análise dos resultados, o sexto cenário sobressai-se dos demais como o mais adequado para a disseminação de doenças, devido às suas boas métricas e, principalmente, à sua quantidade modesta de infectados iniciais. As métricas obtidas do cenário 6 destacam a importância da disposição espacial dos agentes infectados no sistema para a disseminação da doença, evidenciando-a como um fator crucial na modelagem do problema e uma medida primária de combate à doença.

Os resultados demonstram que, mesmo em uma versão simplificada, o modelo é capaz de representar características relevantes para modelagens de problemas da área, oferecendo uma abordagem adequada para estudos de disseminação de doenças.

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Diante do que foi proposto para o trabalho, se têm os aspectos teóricos abordados dentro do modelo através dos parâmetros definido na Tabela 1. É observado que o comportamento do sistema obedece tanto as propriedades do modelo SIR, como os conceitos dos SMAs, que são introduzidos no sistema pelas variáveis resistência imune e tempo de exposição, características essenciais na implementação do modelo em um sistema computacional, apresentado na lógica de transição de fase dada pela Figura 9.

A ideia inicial sobre a relevância da disposição espacial dos agentes infectados é enfatizada, influenciando diretamente na disseminação de uma doença, assim como na quantidade de pessoas que serão acometidas ao longo do processo. Além disso, o trabalho permite o desenvolvimento de futuras investigações voltado a questão de infectados iniciais necessários para o surgimento de epidemias no sistema, além da questão da imunidade de rebanho, abordado no trabalho apenas como estabilidade do sistema.

O modelo se comportar matematicamente coerente e conforme estabelecido, obedecendo as regras e condições mesmo com cenários de simulação bastante distintos quando a disposições espaciais e quantidade de agentes infectados iniciais. Os casos de maior destaque foram o sexto cenário por apresentar uma performance muito boa na disseminação de doenças, devido ao seu arranjo espacial, e o cenário oito, contrariamente, por não conseguir uma disseminação de doença eficaz, mesmo contando com uma alta quantidade de agentes infectados iniciais e com disposição espacial que divide o grid em dois.

Também sendo viável novas abordagens e investigações, como o uso de valores diferentes para os parâmetros definidos, estudo de intervalos de tempo da disseminação em busca de pontos de interesse e criação de novos cenários de infecção, além do incremento do modelo com novos parâmetros da doença, regras de transição de fase, novas classes podem ser propostas ou inspiradas dos modelos variantes do SIR.

REFERÊNCIAS

- [1] BIENCOURT, Guilherme. **Modelagem e simulação de comportamento epidemiológico baseado em Sistemas Multiagentes**. Orientador: Ricardo Azambuja Silveira. 2010. 48 p. Trabalho de conclusão de curso (Bacharel em Ciências da Computação) - Universidade federal de Santa Catarina, Florianópolis, 2010;
- [2] MELOTTI, Gledson. **Aplicação de Autômatos Celulares em Sistemas Complexos: Um Estudo de Caso em Espalhamento de Epidemias**. Orientador: Prof. Dr. Eduardo Mazoni Andrade Marçal Mendes. 2009. 116 p. Dissertação (Pós-Graduação em Engenharia Elétrica) - Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2009;
- [3] JALALI, Réda. **SIR model and cellular automata for disease propagation**. Orientador: Laurent Hardouin. 2020. 34 p. Research project report (3rd year) - Student, Polytech Angers, 2020. Disponível em: <<https://perso-laris.univ-angers.fr/hardouin/JalaliReport/JALALI-Réda.pdf>>. Acesso em: 15 maio de 2023;
- [4] PASCOAL, Fabio Sant'Ana. **SOCIEDADE ARTIFICIAL FIGHT4LIFE: AUTÔMATO CELULAR MODELANDO VIDA ARTIFICIAL**. Orientador: Dr. José Carlos Becceneri. 2005. Relatório Final de Projeto de Iniciação Científica (PIBIC/CNPq/INPE) (Bolsista), IMPE, São José dos Campos, 2005;
- [5] SILVA, Marcelo et al. **Um Sistema de Simulação de Epidemias Utilizando Sistemas Multiagentes**, XIV Computer on the Beach, Florianópolis, SC, Brasil, ano 2023, v.14, 3 de maio de 2023. DOI 10.14210/cotb.v14.p017-024;
- [6] KERMACK W.O. McKendrick, A.G. **A contribution to the mathematical theory of epidemics**. Proceedings of the royal society of london. Series A, Containing papers of a mathematical and physical character 115 (772), 700–721 (1927);
- [7] LEITE, I. O. B.; LINS, J. C. dos S.; CERQUEIRA, M. G. de C. **Especificações na Construção de um Sistema Autômato Celular**. Disponível em: <<https://www.cin.ufpe.br/ifi14/Monografias/Automatos%20Celulares/especificacoes.htm>>. Acesso em: 24 de março de 2024;
- [8] GARDNER, Martin. Mathematical Games. **The Fantastic Combinations of John Conway's New Solitaire Game "Life"**, Scientific American, 1970, v. 6, n. 223, p. 120-123;
- [9] ADAMATZKY, Andrew I. **Identification Of Cellular Automata**. 1. ed. Londres: CRC Press, 1994. 348 p. ISBN 9781315274355;
- [10] RENDELL, Paul. **Turing Machine Universality of the Game of Life**. [S. l.]: Springer Cham, 2016. XV, 177 p. v. 18. ISBN 978-3-319-19841-5.

- [11] RUSSEL, Stuart; NORVIG, Peter. **Artificial Intelligence: A Modern Approach**. 4. ed. [S. l.]: Pearson, 2021. ISBN 978-1292401133;
- [12] WOOLDRIDGE, Michael. **An introduction to multiagent systems**. 2. ed. [S. l.]: Wiley, 2009. 484 p. ISBN 978-0470519462.